

Keragaman Sebelas Klon Mangga Komersial Indonesia (Variation of Eleven Clones Indonesian Commercial Mango)

Tasliah¹⁾, Karsinah²⁾, dan Joko Prasetyono¹⁾

¹⁾Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian
Jln. Tentara Pelajar No. 3A, Bogor, Jawa Barat, Indonesia 16111

²⁾Balai Penelitian Tanaman Buah Tropika, Jln. Raya Solok-Aripan Km 8. Solok, Sumatera Barat, Indonesia 27301
E-mail: tasliah1@yahoo.co.id

Naskah diterima tanggal 10 Juni 2015 dan disetujui untuk diterbitkan tanggal 18 September 2015

ABSTRAK. Mangga merupakan salah satu buah penting di Indonesia. Tanaman mangga dapat menyerbuk silang sehingga menyebabkan adanya varian-varian mangga dengan nama yang sama. Arumanis dan Gedong Gincu merupakan varietas mangga komersial Indonesia untuk memenuhi pasar dalam negeri maupun internasional. Selain kedua varietas tersebut terdapat mangga Gadung sebagai mangga komersial yang berkarakter mirip dengan Arumanis, oleh karena itu para pakar mangga terdahulu menyatakan bahwa mangga Gadung-21 sinonim dengan mangga Arumanis-143 sehingga mangga Gadung-21 tidak bisa dilepas sebagai varietas unggul baru. Pohon induk varietas tersebut telah dikoleksi di Kebun Percobaan Cukurgondang dan dalam koleksi tersebut terdapat beberapa klon mangga Arumanis, Gedong, dan Gadung. Penelitian ini bertujuan mengetahui keragaman genetik 11 klon mangga komersial Indonesia berdasarkan marka mikrosatelit. Bahan tanaman yang digunakan ialah 11 klon mangga yang meliputi lima klon mangga Arumanis, dua klon mangga Gadung, dan empat klon mangga Gedong yang berasal dari Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur. Penelitian dilakukan di Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian dari bulan Januari sampai bulan November 2014. Marka yang digunakan ialah 30 marka mikrosatelit. Analisis kesamaan menggunakan koefisien Dice, sedangkan pengelompokan mangga menggunakan metode UPGMA yang ada di dalam program NTSYS 2.1. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat tiga pasang klon mangga dari 11 yang diuji, yakni Arumanis-143 dengan Arumanis-205, Gadung-21 dengan Arumanis-135, dan Gadung-185 dengan Arumanis-151. Ketiga pasang klon mangga tersebut memiliki tingkat kesamaan lebih dari 90%. Keragaman klon mangga Gedong sangat tinggi, terbukti dari variasi pola pita yang muncul dalam analisis DNA. Mangga Gadung-21 terbukti sinonim dengan mangga Arumanis-135 bukan dengan Arumanis -143.

Kata kunci: Mangga (*Mangifera indica* L.); Keragaman genetik; Marka mikrosatelit

ABSTRACT. Mango is one of the important fruits in Indonesia. Naturally, the plants are cross pollinated, that caused variants in the same name. Arumanis and Gedong Gincu is one of the Indonesian mango varieties that are developed for domestic and international markets and has high economic value. In addition it those varieties, there is other varieties that is Gadung mango known as commercial mango that has character like to Arumanis. The earlier mango experts claimed that Gadung mango was synonymous with Arumanis, so that it could not be released as new superior variety. The mother plant of those varieties were collected at Cukurgondang Experimental Field. At these collection site, there were several clones of mango Arumanis, Gedong, and Gadung. This aims of this study were to determine the genetic diversity among eleven Indonesian commercial mango clones based on microsatellite markers. Plant materials used were eleven clones of mango consisted of five clones of Arumanis, two clones of mango Gadung, and four clones of mango Gedong, derived from Cukurgondang, Experimental Field, Pasuruan, East Java. This study was conducted at the Indonesian Center for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development from January to November 2014. Markers used were thirty microsatellite markers. Analysis of similarities were done using Dice coefficient, while the grouping of mango was analyzed using UPGMA method that was included in the program NTSYS 2.1. The results showed there were three pairs of mango, namely Arumanis-143 with Arumanis-205, Gadung-21 with Arumanis-135, and Gadung-185 with Arumanis-151. These three pairs of mango had more similarity level of 90%. All of mango Gedong clones were different, showed that they had high diversity. Mango Gadung-21 proved synonymous with mango Arumanis-135.

Keywords: Mango (*Mangifera indica* L.); Genetic variability; Microsatellite markers

Buah mangga (*Mangifera indica* L.) merupakan salah satu jenis buah yang digemari masyarakat di Indonesia. Mangga yang dikenal sebagai tanaman diploid ($2n=2x=40$), termasuk ke dalam famili Anacardiaceae. Tanaman ini diperkirakan berasal dari Indo-Burma yang menyebar ke berbagai negara di dunia dari Amerika Latin seperti Brazilia, Afrika serta kawasan Asia Tenggara termasuk ke Indonesia

(Bhargava & Khorwal 2011, Duval et al. 2005, Pandit et al. 2007, Wahdan et al. 2011).

Variasi genetik di dalam satu jenis mangga dapat memunculkan fenotipe baru atau hanya menimbulkan variasi genetik di tingkat DNA tanpa mengubah fenotipe buah mangga. Karakter morfologi telah dipakai secara rutin untuk mengidentifikasi fenotipe mangga, bahkan dapat digunakan sebagai identifikasi

kultivar mangga secara komersial (Chiang *et al.* 2012). Deskripsi mangga telah dilakukan berdasarkan karakteristik dari batang, daun, bunga, buah, dan biji (Sutanto *et al.* 2005). Identifikasi mangga-mangga Indonesia secara morfologi juga telah dilakukan, baik mangga pada mangga komersial (Fitmawati *et al.* 2009), mangga lokal (Baswarsiaty & Yuniarti 2007), ataupun mangga hasil persilangan (Fitriani *et al.* 2014).

Namun, identifikasi morfologi ini sulit dilakukan pada mangga yang memiliki kemungkinan variasi genetik yang besar, apalagi mangga bersifat *open pollinated*. Teknologi analisis DNA dapat dipertimbangkan sebagai tambahan data identifikasi suatu tanaman mangga. Pada saat ini, teknologi analisis DNA dapat diaplikasikan pada berbagai aspek biologi tanaman, di antaranya identifikasi kultivar, duplikasi kultivar (Bahagiawati *et al.* 2005), dan untuk mengetahui kemurnian secara genetik (Moeljopawiro 2010). Penggunaan teknologi analisis DNA untuk pembuatan identitas diri (ID) dapat diaplikasikan pada kasus duplikasi ataupun *mis-labelling*.

Arumanis dan Gedong Gincu merupakan varietas mangga komersial Indonesia untuk memenuhi pasar dalam negeri maupun ekspor. Selain kedua varietas tersebut terdapat mangga Gadung yang merupakan mangga komersial yang berkarakter mirip dengan Arumanis sehingga para pakar mangga terdahulu menyatakan bahwa mangga Gadung sinonim dengan mangga Arumanis. Oleh karena itu, mangga Gadung tidak bisa dilepas sebagai varietas unggul baru. Pohon induk varietas tersebut telah terkoleksi di Kebun Percobaan Cukurgondang. Di dalam koleksi tersebut terdapat beberapa klon mangga Arumanis, Gedong, dan Gadung.

Identifikasi secara molekuler pada kasus seperti ini sangat bermanfaat untuk mengetahui perbedaan atau persamaan antarklon yang ada. Tujuan penelitian ini ialah melihat keragaman genetik sebelas klon mangga komersial berdasarkan marka mikrosatelit. Analisis molekuler akan membuktikan apakah memang benar mangga Gadung sinonim dengan mangga Arumanis atau tidak.

BAHAN DAN METODE

Waktu dan Tempat

Penelitian dilakukan mulai Januari–November 2014 di Laboratorium Biologi Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian.

Bahan dan Alat

Bahan tanaman yang digunakan dalam penelitian ini ialah 11 klon mangga koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur, yang terdiri dari lima klon mangga Arumanis, dua klon mangga Gadung, dan empat klon mangga Gedong (Tabel 1).

Analisis marka mikrosatelit dilakukan dengan menggunakan 30 marka. Marka-marka yang dipergunakan untuk analisis molekuler dapat dilihat dalam Tabel 2.

Prosedur Penelitian

Isolasi DNA

DNA diisolasi dari daun muda 11 klon mangga komersial. Prosedur isolasi DNA menggunakan bufer ekstraksi *cetyl trimethyl ammonium bromide* (CTAB) dengan mengikuti protokol Doyle & Doyle (1990).

Tabel 1. Daftar klon mangga komersial di KP Cukurgondang yang digunakan untuk analisis molekuler
(*List of commercial mango clones at Cukurgondang Experimental Field used for molecular analysis*)

Klon (Clone)	ID Lapangan (Field ID)	Asal (Origin)
Arumanis-1	I/1-2	Pilang, Sumberkareng, Probolinggo
Arumanis-143	I/95-96	Depan Klenteng, Probolinggo
Arumanis-135	I/87-88	Paiton, Kraksaan, Probolinggo
Arumanis-151	I/103-104	Kebonsari Kulon, Kanigaran, Probolinggo
Arumanis-205	I/157-158	Grati, Pasuruan
Gadung-21	I/17-18	Kebonsari, Probolinggo
Gadung-185	I/137	Pasuruan
Gedong-289	II/215-216	Karanganyar, Cirebon
Gedong-105	III/3-4	Indramayu
Gedong-261	III/13-14	Karanganyar, Cirebon
Gedong Gincu	Mg-91 (Tabulampot)	Cirebon

Tabel 2. Daftar sekuen dan tipe pengulangan marka mikrosatelit yang digunakan untuk analisis molekuler (*List of sequence and repetition type of microsatellite markers used for molecular analysis*) (Duval *et al.* 2005, Schnell *et al.* 2005)

Marka (Markers)	Forward (<i>Forward</i>)	Reverse (<i>Reverse</i>)	Tipe pengulangan (<i>Repetition type</i>)
AY942817	TAACAGCTTTGCTTGCCTCC	TCCGCCGATAAACATCAGAC	(CT/AG) ₁₄
AY942818	CCACGAATATCAACTGCTGCC	TCTGACACTGCTCTTCCACC	(CT/AG) ₁₁
AY942819	AAACGAGGAAACAGAGCAC	CAAGTACCTGCTGCAACTAG	(AAC/GTT) ₈
AY942820	AGGTCTTTTATCTTCGGCCC	AAACGAAAAAGCAGCCCA	(TATG/CATA) ₇
AY942821	TGTAGTCTCTGTTTGCTTC	TTCTGTGTCGTCAAACCTC	(GTT/AAC) ₆
AY942822	CAACTTGGCAACATAGAC	ATACAGGAATCCAGCTTC	(TG/CA) ₉
AY942823	AGAATAAAGGGGACACCAGAC	CCATCATCGCCCACTCAG	(GTTGTGT/ACACAAC) ₃
AY942824	TTGATGCAACTTTCTGCC	ATGTGATTGTTAGAATGAACCT	(CA?TG) ₉
AY942825	CGAGGAAGAGGAAGATTATGAC	CGAATACCATCCAGCAAAATAC	(CGG/CCT) ₇
AY942827	GTTTTTCATTCTCAAAATGTGTG	CTTTCATGTTTCATAGATGCAA	(CT/AG) ₁₅
AY942828	CTCGCATTTCTCGCAGTC	TCCCTCCATTTAACCCCTCC	(AG/CT) ₉
AY942829	GAACGAGAAATCGGGAAC	GCAGCCATTGAATACAGAG	(GTT/AAC) ₈
AY942830	AACCCATCTAGCCAACCC	TTGACAGTTACCAAACCAGAC	(TC/GA) ₁₁ (TA) ₁₀ (CA/ TG) ₉ (TA) ₃ (CA/TG)
AY942831	TTTACCAAGCTAGGGTCA	CACTCTTAAACTATTCAACCA	(GA/TC) ₁₅
AJ938175	GCTCTTTTCTTGACCTT	TCAAAATCGTGTTCATTTC	(TG) ₁₂
AJ938179	TCGGTCATTACACCTCT	TTATTGAGCTTCTTTGTGTT	(AATA) ₃ (AC) ₈
AJ635163	TGAGTTGTTGCTCTGCT	GGTGCTTGTTTCTCGT	(TC) ₆ GTTTCT(TG) ₉
AJ635165	GATGAAACCAAAGAAGTCA	CCAATAAGAACTCCAACC	(TG) ₁₀
AJ635166	CTTGAAAGAGATTGAGATTG	AGAAGGCAGAAGGTTTAG	(GT) ₈
AJ635168	TTCTAAGGAGTTCTAAATGTC	CTCAAGTCCAACATACAATAC	(GT) ₉
AJ635170	GACCCAACAAATCCAA	ACTGTGCAAACCAAAAG	(AT) ₆ G(TG) ₁₄ (TATG) ₆
AJ635171	TAAAGATAAGATTGGGAAGAG	CGTAAGAAGAGCAAAGGT	(AC) ₁₀
AJ635172	TAGGGATATAGCTGGAGG	ACGCAGTAGAACCTGTG	(TG) ₁₃
AJ635175	TGCGTAAAGCTGTTGACTA	TCATCTCCCTCAGAACA	(GT) ₁₀
AJ635176	GAGGAACATAAAGATGGTG	GACAAGATAAACAACCTGGAA	(TG) ₁₁
AJ635178	TAGCTGTTTTGGCCTT	ATGTGGTTTGTGCTTC	(AT) ₆
AJ635180	CCTCAATCTCACTCAACA	ACCCACAACTCAAACCTAC	(AC) ₈
AJ635182	GACTTGCAGTTTCCTTTT	TCAAGAACCCCATTTG	(AC) ₁₄
AJ635183	CCATTCTCCATCCAAA	TGCATAGCAGAAAGAAGA	(TG) ₈
AJ635187	ATCCCCAGTAGCTTTGT	TGAGAGTTGGCAGTGTT	(CA) ₆

Reaksi PCR dilakukan dalam volume total 20 µl, terdiri atas 2 µl 10×bufer PCR, 1,2 µl 25 mM MgCl₂, 0,6 µl 4 µM dNTPs, 0,6 µl 10 mM primer F, 1 µl 10 mM primer R, 1 unit Taq DNA polimerase, dan 5 µl 10 ng DNA mangga.

Amplifikasi DNA dan Elektroforesis

Amplifikasi DNA dilakukan dengan PCR mengikuti metode yang dideskripsikan oleh Duval *et al.* (2005) dan Schnell *et al.* (2005) sebagai berikut: inisiasi denaturasi awal pada suhu 95°C selama 3 menit,

diikuti 34 siklus yang terdiri dari denaturasi pada suhu 94°C selama 1 menit, penempelan primer pada suhu 50°C selama 1 menit, dan perpanjangan basa pada suhu 72°C selama 2 menit. Tahap akhir proses PCR ialah perpanjangan akhir pada suhu 72°C selama 5 menit dan inkubasi pada suhu 4°C. Untuk melihat fragmen/pita hasil amplifikasi dilakukan elektroforesis menggunakan gel agarosa 2% (0,5% *agarose low EED/1st BASE* ditambah 0,75% *low melting agarose/ invitrogen ultra pureTM*). Pemisahan pita-pita hasil amplifikasi dilakukan bersama-sama dengan penanda 100 bp *DNA ladder* (Vivantis). Kemudian divisualisasi di bawah sinar UV pada alat ChemidocTM EQ/BIO-RAD.

Analisis Data

Pita-pita hasil amplifikasi diskor sebagai data biner dengan nilai 1 (bila ada pita) dan 0 (bila tidak ada pita). Selanjutnya data ini digunakan untuk mengelompokkan

klon mangga yang diuji melalui analisis kluster SAHN pada program NTSYS pc. 2.1 (Rohlf 1993).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan merupakan salah satu kebun percobaan yang memiliki koleksi plasma nutfah mangga sebanyak 208 kultivar (298 klon mangga), karena dalam satu kultivar ada yang memiliki lebih dari satu klon. Sebagai contoh Arumanis terdiri atas lima klon, Gadung terdiri atas dua klon, dan mangga Gedong terdiri atas empat klon (Tabel 1). Pakar mangga terdahulu pada buku deskripsi mangga (Byhouwer 1955 dan Soehendro 1957 dalam Sutanto *et al.* 2005), menyebutkan bahwa mangga Gadung sinonim dengan Arumanis, sehingga mangga Gadung-21 tidak dapat dilepas sebagai varietas unggul yang berbeda dengan Arumanis-143.

Tabel 3. Karakter fisik buah dari klon-klon mangga komersial yang terkoleksi di KP Cukurgondang
(*Physical fruit characters of commercial mango clones collected at Cukurgondang Experimental Field*)

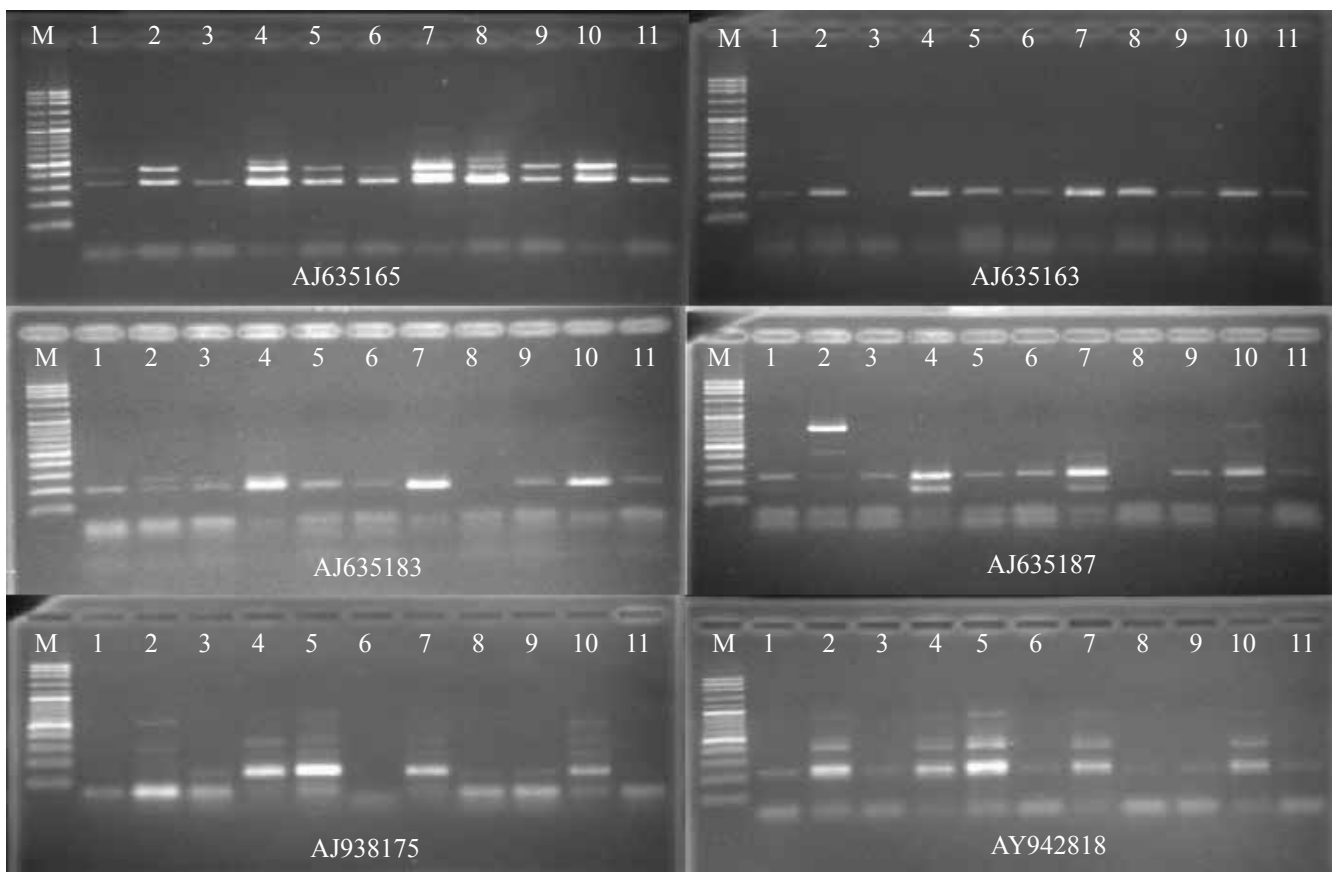
Karakter fisik buah (<i>Physical fruit characters</i>)								
Klon (<i>Clone</i>)	Bentuk buah (<i>Fruit shape</i>)	Bobot buah (<i>Fruit weight</i>) g	Panjang buah (<i>Fruit length</i>) cm	Lebar buah (<i>Fruit width</i>) cm	Tebal buah (<i>Fruit thick</i>) cm	Tebal daging buah (<i>Pulp thick</i>) cm	Porsi buah yang dapat dimakan (<i>Portion of edible fruit</i>), %	Warna kulit buah (<i>Fruit skin color</i>)
Arumanis-1	Jorong	428	12,63	8,15	7,73	2,03	77,12	Hijau
+Arumanis-143	Jorong	446	13,40	8,52	7,76	2,00	70,76	Hijau
+++Arumanis-135	Jorong	468	13,04	8,62	8,07	2,40	72,04	Hijau
++Arumanis-151	Jorong	508	12,96	8,61	8,23	2,30	76,33	Hijau
+Arumanis-205	Jorong	398	12,74	8,12	7,51	2,03	70,94	Hijau
+++Gadung-21	Jorong	510	13,80	8,91	8,18	2,41	73,65	Hijau
++Gadung-185	Jorong	550	13,78	9,20	8,41	2,23	72,65	Hijau
Gedong-289	Bulat	257	8,42	7,62	6,70	1,92	70,33	Pangkal merah, ujung oranye
Gedong-105	Bulat	225	8,21	7,39	6,53	1,94	67,43	Pangkal merah, ujung oranye
Gedong-261	Bulat	183	7,80	6,90	6,00	1,74	67,07	Pangkal merah, ujung oranye
Gedong Gincu	Bulat	220	8,16	7,30	6,00	1,62	64,70	Pangkal merah, ujung oranye

Sumber: Karsinah *et al.* (2011, 2014)

Keterangan: tanda + yang berjumlah sama menunjukkan kesamaan genetik > 90%

Tabel 4. Tabulasi jumlah pita dan jumlah alel masing-masing marka (*Microsatellite markers, band number, and allele number of each marker*)

Marka (Markers)	Jumlah pita (Band number)	Jumlah alel (Allele number)	Marka (Markers)	Jumlah pita (Band number)	Jumlah alel (Allele number)
AY942817	1-3	3	AJ938179	1-2	3
AY942818	1-4	5	AJ635163	1-3	3
AY942819	0-3	3	AJ635165	1-3	3
AY942820	1-3	3	AJ635166	1	1
AY942821	1-2	2	AJ635168	1-2	2
AY942822	1-2	2	AJ635170	1-3	3
AY942823	1-3	3	AJ635171	0-3	3
AY942824	1-3	4	AJ635172	1-2	2
AY942825	1-3	3	AJ635175	1-3	3
AY942827	1-2	2	AJ635176	1	1
AY942828	1-3	3	AJ635178	1-2	2
AY942829	1-2	2	AJ635180	1-2	2
AY942830	1-4	4	AJ635182	1-3	3
AY942831	1-2	2	AJ635183	1-2	2
AJ938175	0-2	2	AJ635187	1-3	4



Gambar 1. Hasil amplifikasi beberapa marka mikrosatelit pada 11 klon mangga (*The amplification result of some microsatellite markers on 11 mango clones*)
M= 1 kb DNA ladder, 1= Gedong-289, 2=Gedong-105, 3= Gedong-261, 4=Gedong Gincu, 5= Arumanis-1, 6= Arumanis-143, 7= Arumanis-135, 8= Arumanis-151, 9=Arumanis-205, 10=Gadung-21, 11=Gadung-185

Tidak ada perbedaan penampilan yang mencolok antara mangga Arumanis dan Gadung. Bentuk pohon, warna daun, bentuk daun, warna buah, dan rasa buah identik satu dengan yang lain, dan sulit dibedakan meskipun ditanam di tempat yang terpisah. Dari data produksi antara 1944–1967 (Sutanto *et al.* 2005), terdapat perbedaan produksi per pohon di antara klon yang ada, yakni Arumanis-1 (41,96 kg), Arumanis-135 (46,75 kg), Arumanis-143 (54,71 kg), Arumanis-151 (28,04 kg), Arumanis-205 (38,54 kg), dan Gadung-21 (50,64 kg). Perbedaan potensi hasil ini menunjukkan adanya perbedaan genetik di antara klon mangga tersebut, tetapi pembuktian secara molekuler akan lebih menguatkan dugaan tersebut.

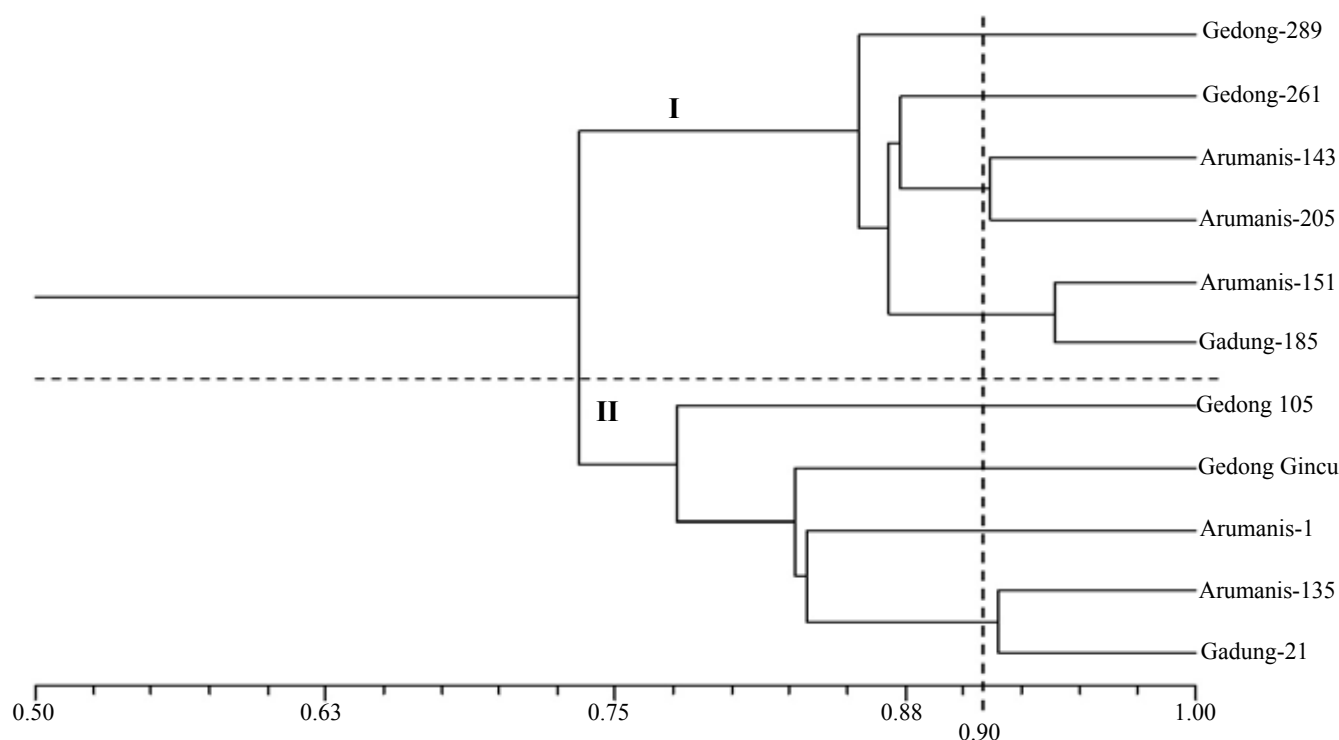
Persamaan yang dimiliki di antara klon mangga gedong ialah bentuk pohon, bentuk daun, warna buah, dan rasa buah, sedangkan perbedaan yang mencolok ialah produksi (1944–1967) yang berbeda di antara klon, yakni Gedong-105 (23,27 kg), Gedong-261 (29,36 kg), dan Gedong-289 (1948–1967, 29,7 kg) (Sutanto *et al.* 2005). Menurut data ini Gedong-261 dan Gedong-289 memiliki potensi sebagai mangga dengan produksi tinggi. Dari hasil karakterisasi buah pada tahun 2011 dan 2014 menunjukkan bahwa dari tiga klon mangga Gedong, Gedong-289 mempunyai ukuran buah paling besar (berat buah 257 g) dengan porsi buah yang bisa dimakan juga paling tinggi (70,33%). Hasil karakterisasi buah 10 klon mangga komersial di

Kebun Percobaan Cukurgondang pada tahun 2011 dan 2014 dapat dilihat pada Tabel 3.

Berdasarkan analisis molekuler terdapat variasi alel di dalam klon-klon mangga yang sama (sejenis) yang dihasilkan oleh masing-masing marka (Tabel 4). Hasil amplifikasi beberapa klon mangga dapat dilihat dalam Gambar 1.

Jumlah alel masing-masing marka mencerminkan variasi klon mangga yang digunakan. Makin banyak variasi alel maka variasi klon mangga (dari sisi genetik) juga makin meningkat. Jumlah alel yang diperoleh juga berhubungan dengan tingkat resolusi separasi DNA yang digunakan. Pada penelitian mangga dengan menggunakan marka mikrosatelit tanpa label, jumlah alel yang dihasilkan tidak lebih dari 10 (Begum *et al.* 2012, Ribeiro *et al.* 2012, Surapaneni *et al.* 2013, Viruel *et al.* 2005), sedangkan pada marka mikrosatelit berlabel jumlah alel yang dihasilkan meningkat lebih dari 10 (Schnell *et al.* 2006), bahkan sampai 75 alel (Tasliyah *et al.* 2013). Namun, Utami *et al.* (2012) hanya menghasilkan alel 2–5 saja meskipun menggunakan marka berlabel, hal ini menunjukkan sampel mangga yang tidak bervariasi.

Alel yang dihasilkan pada penelitian ini bervariasi dari 1–5 alel, dengan variasi jumlah pita 0–4 pita. Klon mangga yang digunakan dalam penelitian ini mempunyai perbedaan yang tidak terlalu jauh, bahkan



Gambar 2. Dendrogram 11 klon mangga menggunakan 30 marka mikrosatelit dengan metode pengelompokan UPGMA (*Dendrogram of 11 mango clones using 30 microsatellite markers with UPGM grouping method*)

Tabel 5. Matrik kesamaan antarklon mangga dengan koefisien kesamaan “Dice” (*Similarity matrix among mango clones on Dice similarity coefficient*)

	Gedong-289	Gedong-105	Gedong-261	Gedong Gincu	Arumanis-1	Arumanis-143	Arumanis-135	Arumanis-151	Arumanis-205	Gadung-21	Gadung-185
Gedong-289	1										
Gedong-105	0,7555556	1									
Gedong-261	0,8358209	0,6913580	1								
Gedong Gincu	0,7912088	0,7619048	0,6829268	1							
Arumanis-1	0,8250000	0,8297872	0,8169014	0,8210526	1						
Arumanis-143	0,8450704	0,6823529	0,8709677	0,7209302	0,8266667	1					
Arumanis-135	0,8085106	0,7592593	0,6823529	0,8440367	0,8571429	0,7191011	1				
Arumanis-151	0,8333333	0,6976744	0,8571429	0,6896552	0,7894737	0,8358209	0,7111111	1			
Arumanis-205	0,8767123	0,7126437	0,8750000	0,7272727	0,8571429	0,9117647	0,7252747	0,8695652	1		
Gadung-21	0,7600000	0,7543860	0,6373626	0,8173913	0,8076923	0,6736842	0,9152542	0,6875000	0,7010309	1	
Gadung-185	0,8857143	0,7380952	0,8852459	0,7058824	0,8108108	0,8615385	0,7272727	0,9393939	0,8955224	0,6808511	1

sebetulnya terbagi ke dalam dua kelompok yakni Arumanis dan Gadung sebagai kelompok pertama dan Gedong sebagai kelompok lainnya. Marka AY942818 menghasilkan lima alel, sedangkan marka AY942824, AY942830, dan AJ635187 menghasilkan empat alel. Marka-marka inilah yang memiliki kemampuan tinggi untuk studi kekerabatan genetik mangga.

Berdasarkan perhitungan kesamaan dengan menggunakan koefisien “Dice” (Tabel 5), terlihat walaupun secara morfologi tidak terdapat perbedaan yang nyata di antara klon Arumanis, Gadung, dan Gedong, ternyata secara molekuler klon tersebut berbeda, kecuali Arumanis-143 dengan Arumanis-205, Gadung-21 dengan Arumanis-135, dan Gadung-185 dengan Arumanis 151. Secara molekuler klon tersebut memiliki koefisien kesamaan lebih besar 90%, sehingga satu dengan yang lain bersifat identik atau sama. Oleh karena ketiga pasang mangga tersebut identik, maka antarpasangan tersebut hanya salah satu yang dapat dilepas sebagai varietas unggul. Misal, Arumanis-143 sudah dilepas sebagai varietas unggul, maka Arumanis-205 tidak bisa dilepas sebagai varietas baru karena klon tersebut ialah “kembarannya”. Demikian pula, berlaku untuk kedua pasangan yang lain. Ketiga pasang mangga yang identik tersebut berdasarkan karakter fisik buahnya mempunyai kemiripan, antara lain pada bobot buah, tebal buah, tebal daging buah, dan porsi buah yang bisa dimakan. Pasangan Arumanis-143 dan Arumanis-205 mempunyai bobot buah, tebal buah, tebal daging buah, dan porsi buah yang bisa dimakan lebih kecil dibandingkan dengan kedua pasangan lainnya. Mangga Arumanis yang mempunyai kemiripan dengan mangga Gadung mempunyai bobot buah, tebal buah, tebal daging buah, dan porsi buah yang bisa dimakan lebih tinggi (Tabel 3). Tabel 5 menunjukkan bahwa mangga Gadung memiliki hubungan genetik yang dekat dengan mangga Arumanis. Namun, penelitian ini membuktikan bahwa Gadung-185 dan Gadung-21 secara genetik berbeda satu sama lainnya, walaupun keduanya sama dengan Arumanis. Pada mangga Gedong, karena semua klon berbeda satu sama lain maka semua klon berpeluang dapat dilepas sebagai varietas baru.

Hasil analisis pengelompokan menggunakan metode *unweighted pair group method with arithmetic mean* (UPGMA) (Gambar 2) menyatakan bahwa ketiga pasang mangga yang identik tersebut tetap mengelompok terpisah dibanding dengan mangga-mangga yang lain. Mangga-mangga yang tidak terkelompok pada tingkat kesamaan lebih besar

dibanding 90% berpeluang dilepas sebagai varietas baru dan dapat mendapat perlindungan varietas tanaman dengan syarat dan ketentuan yang berlaku.

Marka mikrosatelit sebagai marka molekuler memang terbukti dapat menunjukkan perbedaan/persamaan antarklon. Marka yang sangat berlimpah di dalam genom setiap organisme (Oliviera *et al.* 2006) ini dapat dimanfaatkan secara maksimal sebagai marka pembeda antarklon. Eksplorasi dan pembuatan marka mikrosatelit untuk mangga juga telah banyak dilakukan (Duval *et al.* 2005, Honsho *et al.* 2005, Ravishankar *et al.* 2011). Marka ini menjadi marka yang tak terbatas dan bersifat unik untuk masing-masing jenis tanaman.

Kemampuan marka ini di dalam membedakan varian-varian di dalam varietas juga pernah dilakukan. Moeljopawiro (2010) membuktikan varian-varian padi varietas Fatmawati di lapangan ternyata memiliki variasi genetik yang luas. Hal ini mungkin disebabkan oleh pencampuran genetik secara alami, atau penamaan yang salah oleh petani pada tanaman yang dianggap mirip dengan Fatmawati. Bahagiawati *et al.* (2005) juga membuktikan kemiripan antarindividu cabai, tomat, dan terong yang diduga diambil dari sampel aslinya, bahkan pada tingkat kemiripan genetik di atas 95%. Nilai persentase untuk menentukan kesamaan antarorganisme memang belum ada kesepakatan internasional. Di dalam statistika umumnya dipakai batas 90% dan 95% untuk menyatakan tingkat kepercayaan. Namun, untuk penentuan batas kesamaan pada penelitian ini digunakan angka 90%, mengingat klon yang dipakai sebagian besar mirip secara morfologi di dalam satu jenis.

Berdasarkan Gambar 2 tersebut, terlihat ada dua kelompok besar pada tingkat kesamaan 75%. Kelompok I terdiri atas Arumanis-143, Arumanis-151, Arumanis-205, Gadung-185, Gedong-261, dan Gedong-289. Kelompok II terdiri atas Arumanis-1, Arumanis-135, Gadung-21, Gedong-105, dan Gedong Gincu. Dua kelompok ini menunjukkan adanya perbedaan yang cukup nyata. Perbedaan genetik ini biasanya disebabkan oleh perbedaan habitat (tanah, suhu, kelembaban) pada saat tanaman itu bertahan hidup dari tekanan seleksi lingkungan. Menurut Sutanto *et al.* (2005) mangga-mangga tersebut berasal dari daerah yang memiliki suhu tinggi (daerah panas) walaupun berbeda tempat.

KESIMPULAN DAN SARAN

Pengelompokan 11 klon mangga komersial Indonesia dengan menggunakan 30 marka mikrosatelit terbagi ke dalam dua kelompok dengan klon yang beragam. Tiga pasang mangga (Arumanis-143 dengan Arumanis-205, Gadung-21 dengan Arumanis-135, dan Gadung-185 dengan Arumanis 151) mempunyai tingkat kesamaan genetik >90% (identik secara genetik). Mangga Gadung-21 terbukti sinonim dengan mangga Arumanis-135, tetapi bukan dengan Arumanis-143.

DAFTAR PUSTAKA

1. Bahagiawati, Septiningsih, EM, Yunus, M, Prasetyono, J, Dadang, A & Sutrisno 2005, 'Aplikasi teknologi marka molekuler untuk verifikasi identitas genetik varietas sayuran komersial', *J. Hort.*, vol. 15, no. 3, hlm. 153-9.
2. Baswarsiaty & Yuniarti 2007, 'Karakter morfologis dan beberapa keunggulan mangga Podang Urang', *Bul. Plasma Nutfah*, vol. 13, no. 3, hlm. 62-9.
3. Begum, H, Reddy, MT, Malathi, S, Reddy, BP, Areahk, S, Nagaraju, J & Siddiq, EA 2012, 'Molecular analysis for genetic distinctiveness and relationships of indigenous landraces with popular cultivars of mango (*Mangifera indica* L.) in Andhra Pradesh, India', *AAJPSB*, vol. 6, no. 1, pp. 4-37.
4. Bhargava, R & Khorwal, R 2011, 'Molecular characterization of *Mangifera indica* by using RAPD marker', *Indian J. Fundamental Applied Life Sciences*, vol. 1, no. 1, pp. 47-9.
5. Chiang, YC, Tsai, CM, Chen, YKH, Lee, SR, Chen, CH, Lin, YS & Tsai, CC 2012, 'Development and characterization of 20 new polymorphic microsatellite markers from *Mangifera indica* (Anacardiaceae)', *Am. J. Bot.*, pp. e117-e 9.
6. Doyle, JJ & Doyle, JL 1990, 'Isolation of plant DNA from fresh tissue', *Focus*, vol.12, pp. 13-5.
7. Duval, MF, Bunel, J, Sitbon, C & Risterucci, AM 2005, 'Development of microsatellite markers for mango (*Mangifera indica*)', *Mol. Ecol. Notes*, vol. 5, pp. 824-6.
8. Fitmawati, Hartana, A & Purwoko, BS 2009, 'Taksonomi mangga budidaya Indonesia dalam praktik', *J. Agron. Indonesia*, vol. 37, no. 2, hlm. 130-7.
9. Fitriani, RD, Roviq, M & Wardiyati T 2014, 'Karakterisasi bunga dan buah mangga hasil persilangan Arumanis-143(A) x Swarnarika(S), Arumanis-143(A) x Haden(H), dan Arumanis-143(A) x Carabao(C)', *Buana Sains*, vol. 14, no. 1, hlm. 95-104.
10. Honsho, C, Nishiyama, K, Eiadthong, W & Yonemori, K 2005, 'Isolation and characterization of new microsatellite markers in mango (*Mangifera indica*)', *Mol. Ecol. Notes*, vol. 5, pp. 152-154.
11. Karsinah, Rebin, Manshur, A, Setyowati, K, Samad & Endriyanto 2011, *Karakterisasi plasma nutfah mangga*, Laporan Hasil Penelitian, Balitbu Tropika, 44 hlm.
12. Karsinah, Rebin, Manshur, A, Setyowati, K & Endriyanto 2014, *Karakterisasi plasma nutfah mangga*, Laporan Hasil Penelitian, Balitbu Tropika, 34 hlm.
13. Moeljopawiro, S 2010, 'Marka mikrosatelit sebagai alternatif uji BUSS dalam perlindungan varietas tanaman padi', *Bul. Plasma Nutfah*, vol. 16, no. 1, hlm. 1-7.
14. Oliveira, EJ, Pádua, JG, Zucchi, MI, Vencovsky, R & Vieira, MLC 2006, 'Origin, evolution, and genome distribution of microsatellites', *Genet. Mol. Biol.*, vol. 29, no. 2, pp. 294-307.
15. Pandit, SS, Mitra, S, Giri, AP, Pujari, KH, Patil, BP, Jambhale, ND & Gupta, S 2007, 'Genetic diversity analysis of mango cultivars using inter simple sequence repeat markers', *Curr. Sci.*, vol. 93, no. 8, pp.1135-41.
16. Ravishankar, KV, Reddy Mani, BH, Anand, L & Dinesh, MR 2011, 'Development of new microsatellite markers from mango (*Mangifera indica*) and cross-species amplification', *Am. J. Bot.*, vol. 99, pp. e96-e 9.
17. Ribeiro, DSIC, Neto, FPL & Santos, CA 2012, 'Allelic database and accession divergence of a Brazilian mango collection based on microsatellite markers', *Genet. Mol. Res.*, vol. 11, no. 4, pp. 4564-74.
18. Rohlf, FJ 1993, '*NTSYSpc numerical taxonomy and multivariate analysis system, Version 2.1. User Guide*, Department of Ecology and Evolution State University of New York, USA.
19. Schnell, RJ, Olano, CT, Quintanilla, WE & Meerow, AW 2005, 'Isolation and characterization of 15 microsatellite loci from mango (*Mangifera indica* L.) and cross-species amplification in closely related taxa', *Mol. Ecol. Notes*, vol. 5, pp. 625-7.
20. Schnell, RJ, Brown, JS, Olano, CT, Meerow, AW, Campbell, RJ & Kuhu, DN 2006, 'Mango genetic diversity analysis and pedigree inferences for Florida cultivars using microsatellite markers', *J. Am. Soc. Hort. Sci.*, vol. 131, no. 2, pp. 214-24.
21. Surapaneni, M, Vemireddy, LR, Begum, H, Reddy, BP, Neetasi, C, Nagaraju, J, Anwar, SY & Siddiq, EA 2013, 'Population structure and genetic analysis of different utility types of mango (*Mangifera indica* L.) germplasm of Andhra Pradesh state of India using microsatellite markers', *Plant. Syst. Evol.*, vol. 299, pp.1215-29.
22. Sutanto, A, Edison, HS, Purnomo, S, Rusdianto, U & Effendy, AR 2005, '*Deskripsi beberapa aksesori mangga*, Balai penelitian tanaman buah, Pusat Penelitian dan Pengembangan Hortikultura, Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian, Departemen Pertanian, Jakarta.
23. Tasliah, Rijzaani, H, Tri Zulchi, PH, Yuriyah, S, Rebin, Ma'sumah & Silitonga, TS 2013, 'Analisis keragaman genetik 161 aksesori mangga Indonesia menggunakan marka mikrosatelit', *J. AgroBiogen*, vol. 9, no. 3, hlm. 125-35.
24. Utami, DW, Santoso, TJ & Hidayatun, N 2012, 'Sidik jari DNA plasma nutfah mangga berdasarkan analisis fragmen marka SSR (*Simple Sequence Repeat*) berlabel', *J. Hort. Indonesia*, vol. 3, no. 1, hlm. 49-57.

25. Viruel, MA, Escribano, P, Barbieri, M, Ferri, M & Hormaza, JI 2005, 'Fingerprinting, embryo type, and geographic differentiation in mango (*Mangifera indica* L., Anacardiaceae) with microsatellites', *Mol. Breed.*, vol. 15, pp. 383-93.
26. Wahdan, MT, Abdelsalam, AZ, El-Naggar, AA & Hussein, MA 2011, 'Preliminary horticultural studies to describe and identify of two new Egyptian mango strains using DNA fingerprint', *J. Am. Sci.*, vol.7, no. 2, pp. 641-65.